植 物 分 类 与 资 源 学 报　2015, **37** (5): 629~639
Plant Diversity and Resources　DOI: 10.7677/ynzwyj201515002

珍贵木材树种楠木的野生资源调查*

丁　鑫[1,2], 肖建华[1,2**], 黄建峰[1,2], 李　捷[1***]
(1 中国科学院西双版纳热带植物园植物系统发育与保护生物学实验室, 昆明　650223;
2 中国科学院大学, 北京　100049)

摘要: 楠木 (*Phoebe zhennan*) 是我国特有的国家Ⅱ级重点保护珍贵木材树种。本研究对楠木开展了全面的野外调查, 区分其混淆种, 并估测其潜在分布范围。调查发现, 楠木零星分布于四川盆地及贵州北部地区; 由于人为砍伐与生境破坏, 楠木多分布于更新差的风水林, 很少分布于自然林, 部分散布于竹林中, 天然更新的居群极少。通过形态比较与应用 DNA 条形码技术, 可以把楠木与混淆树种黑壳楠 (*Lindera megaphylla*) 和细叶楠 (*Phoebe hui*) 进行区分。通过分布区估测发现, 楠木现在的潜在分布区为四川盆地及贵州北部, 但贵州北部的分布明显破碎化, 未来气候变暖将促使楠木的最适分布区破碎化加剧, 使其分布区向北迁移, 范围进一步缩小。针对楠木的野生资源现状提出了保护对策与建议。

关键词: 楠木; 野生资源调查; 混淆种; 地理分布; 潜在分布区
中图分类号: Q 948　**文献标志码**: A　**文章编号**: 2095-0845(2015)05-629-11

Investigation on Wild Resource of Valuable Timber Tree *Phoebe zhennan* (Lauraceae)

DING Xin[1,2], XIAO Jian-hua[1,2**], HUANG Jian-feng[1,2], LI Jie[1***]
(1 *Laboratory of Plant Phylogenetics and Conservation*, *Xishuangbanna Tropical Botanical Garden*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650223, China; 2 *University of Chinese Academy of Sciences*, Beijing 100049, China)

Abstract: *Phoebe zhennan* is an endemic valuable timber tree to China and was listed as one of the national second-class important protected plants. In the study, we investigated the wild resource of *P. zhennan*, distinguished its confused species and estimated its potential distribution. The results showed that *P. zhennan* had a sporadic distribution in the areas of Sichuan Basin and Northern Guizhou. Due to deforestation and habitat destruction, *P. zhenann* mostly shrinked back to *fengshui* forests with low regeneration, rarely remained in natural forests and some scattered in bamboo forests, few natural regenerating populations were found during our investigation. Two confused species, *Lindera megaphylla* and *Phoebe hui*, were distinguished from *P. zhennan* with the evidence from morphology and DNA barcoding. The results of potential distribution estimation showed that *P. zhennan* might distribute in Sichuan Basin and Northern Guizhou, but the distribution in Northern Guizhou was fragmentizing. In the future, with global warming, habitat fragmentation of *P. zhennan* will be intensified and the distribution would tend to move northward with shrinking. Protection countermeasures and suggestions of *P. zhennan* are discussed.

Key words: *Phoebe zhennan*; Confused species; Geographical distribution; Investigation on wild resource; Potential distribution

---

* 基金项目: 中国科学技术基础性工作专项 (2012FY110400, 2011FY120200); 中国科学院西双版纳热带植物园"一三五"规划"方向四"
** 共同第一作者: 肖建华 (1989-) 女, 在读硕士研究生, 研究方向: 植物系统发育与保护生物学
*** 通讯作者: Author for correspondence; E-mail: jieli@xtbg.ac.cn
收稿日期: 2015-01-05, 2015-03-24 接受发表
作者简介: 丁鑫 (1984-) 男, 在读博士研究生, 研究方向: 植物分类与谱系地理学。

楠木（*Phoebe zhennan* S. K. Lee et F. N. Wei）为樟科（Lauraceae）楠属（*Phoebe* Nees）高大乔木，是我国特有的珍贵木材树种，主要分布于四川、贵州西北部与湖北西部（李锡文等，1982；李树刚和韦发南，1988）。楠木素有“木中金子”之称，树干通直圆满，材质坚实耐腐，纹理致密美观，木味香馥，为著名的“金丝楠木”主要来源树种，自古以来被广泛用于高级建筑和高档家具等的制作，更成为后期封建帝王的“皇木”（郑万钧，1983；李广良和李建文，2010；谭鹏和李敏华，2011）。由于历代对楠木的砍伐利用，尤其是明清以来对楠木的严重砍伐，楠木资源已经近于枯竭（林鸿荣，1988）。目前，楠木已被列为国家Ⅱ级重点保护植物，濒危等级为易危（Vulnerable，VU）（傅立国和金鉴明，1992；汪松和解焱，2004）。

楠木是李树刚与韦发南1979年发表的新种，官方中文名为“楠木”（李树刚等，1979）。但人们习惯地将楠属植物统称为“楠木”，广义上还包括润楠属（*Machilus* Nees）与赛楠属（*Nothaphoebe* Bl.）的部分树种，因此易与楠木混淆的树种较多（蓝勇，1995；贾贤等，2014）。另外，源于“楠木”拼音种加词“*nanmu*”的分类变动导致了“楠木”树种名称的混乱，如《中国高等植物图鉴》中记录了具有较广分布范围（云南、四川、贵州、广西，与湖南）的“楠木”（*Phoebe nanmu*（Oliv.）Gamble）（中国科学院植物研究所，1972）；但《中国植物志》中将其分布范围缩小至西藏东南部、云南南部至西南部，并将中文名改为“滇楠”（*Phoebe nanmu*（Oliv.）Gamble）（李锡文等，1982）；五年后，李树刚和韦发南（1988）发表了“楠木名称考订”一文，对“楠木”的正确学名进行了修订，通过选定后选模式，并根据国际命名法规关于优先律的规定，提出合法名称“润楠（*Machilus nanmu*（Oliv.）Hemsl.）”，并将“*Machilus pingii* Cheng ex Yang”与“*Phoebe nanmu*（Oliv.）Gamble”列为该种的异名，认为该种分布于四川中部至西南部及云南的东南部（麻栗坡）和东北部（绥江），同时将早先《中国植物志》中当作“滇楠”（*Phoebe nanmu*（Oliv.）Gamble）的那些采集于西藏东南（墨脱）与云南东南部（新平）和南部（勐海）的标本发表为新种“白背楠（*Phoebe glaucifolia* S. Lee et F. N. Wei）”，随后出版的《*Flora of China*》Vol. 7中沿用了这一分类处理（Li 等，2008）。在众多的混淆种中，楠木与其亲缘关系近的混淆种，形态特征十分相似，传统的分类方法对它们的鉴别比较困难，可以结合DNA遗传信息对楠属进行树种鉴定（陈云霞等，2014）。DNA条形码技术是利用简短而标准的DNA序列鉴定不同物种的分子技术手段，目前已经得到广泛运用（Hebert 等，2003；Hollingsworth，2011；Li 等，2011a）。CBOL Plant Working Group（2009）建议将叶绿体片段*rbc*L与*mat*K作为植物DNA barcode的核心条码，nrDNA的ITS与叶绿体片段*trn*H-*psb*A作为补充条码。然而在Liu等（2012）与卢孟孟等（2013）的研究中却发现，*mat*K与*rbc*L在樟科的物种鉴定成功率不到30%，并注意到补充条码*trn*H-*psb*A与ITS的鉴定成功率远高于核心条码；同时陈俊秋等（2009）和Li等（2011b）发现ITS片段在樟科楠属物种中能得到较好的扩增与成功测序，且在种间水平的变异位点相对较多。因此，我们在比较楠木与其混淆种的形态特征基础上，结合叶绿体片段*trn*H-*psb*A与nrDNA ITS片段序列，对楠木与其混淆种进行分子鉴定。

近年来随着对珍贵木材的追捧，楠木已经引起不少学者和林业工作者的关注，但相关报道大多是局限于局部区域的楠木研究或描述（张炜等，2009，2012；王琦等，2013；李晓清等，2013），对楠木整个分布范围内的生存现状、分布规律与潜在分布区尚缺乏全面研究。近年来，物种分布信息结合地理信息系统（Geographic Information System，GIS）技术已经广泛应用于物种分布规律的研究、潜在分布区的预测及物种保护与资源调查等（Funk 等，1999；Godown 和 Peterson，2000；Hijmans 和 Spooner，2001；Claridge，2002；Attorre 等，2007；Pearson 等，2007）。DIVA-GIS软件（http://www.diva-gis.org/）将物种的分布信息和地理信息系统相结合对物种分布区进行预测，常被用来绘制物种分布范围、分析物种多样性的分布格局等，为研究物种的分布规律提供了极大的方便（Godown 和 Peterson，2000；Busby，1991；Saqib 等，2006）。为此，在野外全面调查楠木分布与生存现状的基础上，我们结合DIVA-GIS软

件对楠木的分布规律与潜在分布区进行研究。

综上，本文通过相关资料的整理及全面的野外考察，对楠木的地理分布及生存现状进行系统分析，将形态特征和 DNA 条形码技术相互结合对楠木及其混淆种进行区分，并利用 DIVA-GIS 软件对楠木的分布规律及潜在分布区进行研究，目的是为楠木的深入研究和有效保护提供基本资料和科学依据。

1 研究方法

1.1 楠木的居群调查

查阅《中国植物志》及相关地方植物志，确定楠木的分布范围；收集已发表的与楠木相关的研究论文、分布范围内的保护区科考报告以及中国数字植物标本馆（CVH，http://www.cvh.org.cn/）、国家科技部教学标本资源共享平台（NSII，http://mnh.scu.edu.cn/）的标本记录，并咨询有关专家及地方林业部门，对有记录的楠木分布点开展全面的野外调查，经核实与确认后，绘制其地理分布图。在调查过程中记录楠木的居群数量、居群大小、更新状况、生境特征及分布地等信息，同时采集凭证标本。

1.2 楠木与混淆种的区分

由于在野外调查过程中叶与果实较为常见，选择楠木与其常见混淆树种各 5 个居群进行叶形态比较，每个居群采集 5 份标本，每份标本随机测量 5 片成熟叶的叶长（Leaf length，LL）、叶宽（Leaf width，LW）与叶柄长（Leaf petiole length，LPL）；另外，搜集楠木与其混淆树种各 100 个成熟果实，分别测量纵径（Fruit horizontal diameter，FHD）与横径（Fruit vertical diameter，FVD），采用 R 软件进行统计分析，采用 SPSS 16.0 对楠木与其混淆种的同一形态特征进行独立样本 *T* 检验分析，以分析它们之间的形态差异是否显著，绘制楠木与其混淆种的形态图。

野外采集楠木与其混淆种的各 3 个个体的叶片，用硅胶干燥，利用 TIANGEN 试剂盒（DP305），提取全基因组 DNA，并对叶绿体片段 *trn*H-*psb*A 与 nrDNA ITS 进行扩增。扩增流程参照国际生命 DNA 条形码联盟植物工作组（CBOL Planting Wording Group，2009）的实验方案，并进行优化和调整，扩增片段的引物序列为：*trn*H2：CGCATGGTGGATTCACAATCC（Fazekas 等，2010），*psb*A：GTTATGCATGAACGTAATGCTC（Sang 等，1997）；ITS4：TCCTCCGCTTATTGATATGC（White 等，1990），ITSF：GCTACGTTCTTCATCGATGC（Chanderbali 等，2001），所有扩增产物均送北京六合华大基因科技有限公司（BGI）完成测序工作 。所得序列用 Sequencher 4.14（Bromberg 等，1995）拼接和校对，用 ClustalW（Thompson 等，1994）排序，用使用 BioEdit 进行人工校对（Hall，1999）。种内遗传距离和种间遗传距离分析均采用 MEGA 6.0（Tamura 等，2013）进行分析，采用 K2P 替代模型，以及 pairwise deletion 进行计算。

1.3 楠木的潜在分布区估计

使用 DIVA-GIS 7.5 软件中整合的 Bioclim 与 Domain 模型，根据调查的居群分布点对楠木的潜在分布区进行估计。采用 1950-2000 年间的全球各地气象站收集的气候信息合成的全球气候数据 worldclim_2-5 m 估测楠木现在的潜在分布区（分辨度 2.5′，Hijmans 等，2005）；采用在 CO_2浓度倍增情况下模拟的 2100 年气候数据 wc_ccm3_2-5 m 估测气候变暖对楠木分布的影响（分辨度 2.5′，Govindasamy 等，2003）。底图来源于 DIVA-GIS 网站（http://www.diva-gis.org/），气候数据来源于世界气候数据库（http://www.worldclim.org/）。

2 结果

2.1 楠木与混淆种的区分

在野外调查中我们发现，楠木的混淆种主要有细叶楠（*Phoebe hui* Cheng ex Yang）和黑壳楠（*Lindera megaphylla* Hemsl.）两个种。黑壳楠在湖北、四川北部气温较低的地区被误认为楠木，如湖北西北部的竹溪县新洲乡烂泥湾村、竹山县潘口乡水电站淹没区（目前已移栽出）、郧西县娘娘山以及夷陵区小峰乡，四川省北部的北川县漩坪乡、平武县平南乡等地（图 1）。黑壳楠为樟科山胡椒属（*Lindera* Thunb.）树种，与楠木为不同属树种，黑壳楠的花序于叶腋内单生或簇生，花被筒膨大形成果托；而楠木为顶生聚伞状圆锥花序或总状花序，花被筒不膨大成果托（李锡文等，1982），差异明显，极易区分。

在我们的野外调查中发现，细叶楠与楠木的混淆十分普遍，四川的崇州市古寺、大邑县高堂寺、天全县城关、荥经县云峰寺、乐山大佛景区、夹江县迎江乡、威远县东联镇和贵州的习水县双龙乡等地分布的细叶楠居群，以及四川都江堰市青城山风景区、峨眉山风景区、雅安市烈士陵园、筠连县塘坝乡与贵州凤冈县峰岩镇等地的细叶楠和楠木混生群落均被误认为是楠木居群(图 1)。本文通过形态与分子序列比较，结合《中国植物志》的描述将楠木与细叶楠进行区分。

通过叶形态的比较发现，楠木叶长、叶宽与叶柄长的中位数位置与四分位距的高度明显大于

细叶楠，这说明楠木的叶长、叶宽与叶柄长总体大于细叶楠（图 2）。在果实大小的比较中，注意到楠木果实纵径的中位数位置与四分位距高度也明显大于细叶楠，这说明楠木果实的纵径大于细叶楠，而楠木果实横径的中位数位置与四分位距高度略低于细叶楠，这说明楠木的果实横径小于细叶楠的果实横径（图 3）。对叶长、叶宽、叶柄长、果纵径与果横径的范围与平均值的统计结果同样体现了上述结果（表 1）。独立样本 *T* 检验结果表明，楠木的叶长、叶宽、叶柄长与果实纵径显著大于细叶楠的叶长、叶宽、叶柄长与果实纵径，而二者的果实横径差异较小（表 1）。在叶脉与毛被方面，楠木叶侧脉较粗，下面突起，横脉及小脉多而密，在下面结成十分明显的网格状，叶下面被短柔毛，脉上被伸展长柔毛，有时具缘毛，而细叶楠侧脉极纤细，横脉及小脉在下面隐约可见或完全消失，叶下面密被贴伏小柔毛（图 4）。

将测序所得 *trn*H-*psb*A 和 ITS 序列进行拼接、比对、校正之后，得到 *trn*H-*psb*A 长度为 428 bp，

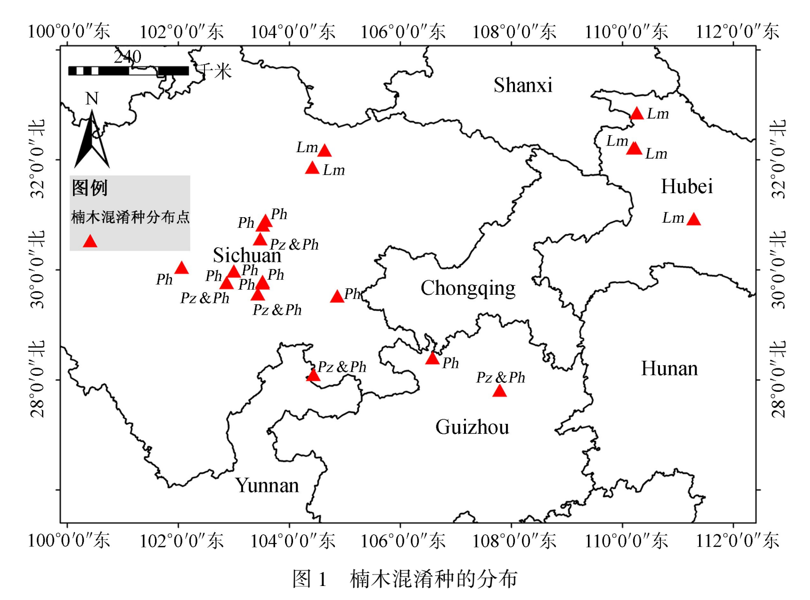


图 1 楠木混淆种的分布

Lm 代表黑壳楠居群、*Ph* 代表细叶楠居群、*Pz* & *Ph* 代表楠木与细叶楠群落

Fig. 1 Distribution of *P. zhennan*'s confused species

Lm represents population of *L. megaphylla*, *Ph* represents population of *P. hui*, *Pz* & *Ph* represents community of *P. zhennan* and *P. hui*

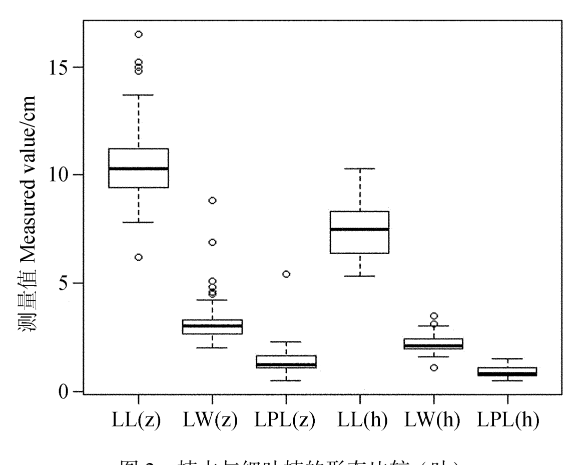


图 2 楠木与细叶楠的形态比较（叶）

“z” 代表楠木，“h” 代表细叶楠

Fig. 2 Morphological comparison between *P. zhennan* and *P. hui* (leaves)

“z” represents *P. zhennan*, “h” represents *P. hui*

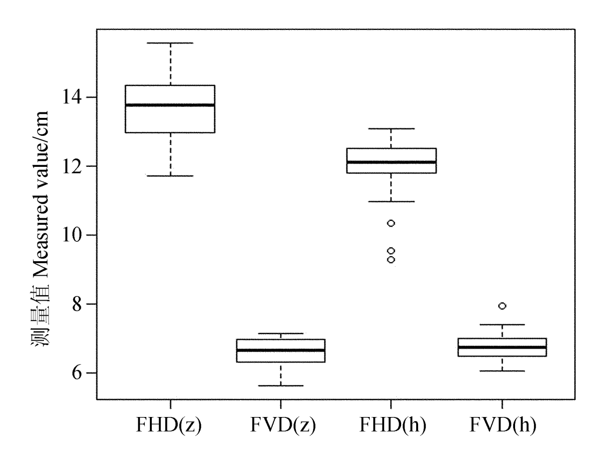


图 3 楠木与细叶楠的形态比较（果实）

“z” 代表楠木，“h” 代表细叶楠

Fig. 3 Morphological comparison between *P. zhennan* and *P. hui* (fruits)

“z” represents *P. zhennan*, “h” represents *P. hui*

表 1 楠木的形态比较及 T 检验

Table 1 Morphological comparison and T test of *P. zhennan*

物种/数值 Species/Value		叶长（LL）	叶宽（LW）	叶柄长（LPL）	果纵径（FHD）	果横径（FVD）
楠木 *P. zhennan*	范围	6.20−16.50	2.00−5.10	0.50−2.40	1.25−1.64	0.64−0.80
	平均	10.46	3.02	1.34	1.45	0.74
细叶楠 *P. hui*	范围	5.30−10.30	1.10−3.50	0.50−1.50	1.18−1.39	0.69−0.87
	平均	7.52	2.21	0.89	1.27	0.76
t 值 t value		−12.09	−9.64	−7.816	−7.84	1.33
P		$P<0.001$	$P<0.001$	$P<0.001$	$P<0.001$	$p=0.188$

单位：cm。Unit：cm

ITS 为 597 bp，详细的分子序列见附件 1（http://journal.kib.ac.cn/UserFiles/File/DX.pdf）。*trn*H-*psb*A 序列的变异形式为插入/缺失，细叶楠 *trn*H-*psb*A 在 128~133 bp 和 289~294 bp 两处均有 6 bp 的缺失；ITS 片段中具有 12 个变异位点，21、86、181、182、547、548 的位置为 1 bp 的插入/缺失，47、567 的位置为 G-T 颠换，59、438、540 的位置为 A-G 转换，568 的位置为 C-G 颠换（表 2）。分析二者的遗传距离发现，*trn*H-*psb*A 片段在楠木和细叶楠的种内和种间遗传距离都为 0；ITS 片段在楠木的种内遗传距离为 0~0.002，细叶楠的种内遗传距离为 0，在楠木与细叶楠的种间遗传距离为 0.008~0.01。

2.2 地理分布与生存现状

根据野外实地调查，楠木零星地分布于 27°38′13.62″N−31°35′34.02″N，102°59′58.54″E−108°46′56.21″E 之间的四川盆地及贵州北部的 24 个县市。最北为大巴山南麓的四川安县罗浮山飞鸣禅院，最南及最东均为贵州江口县双江镇的黑岩坪村，最西为雅安市烈士陵园（雅安西部

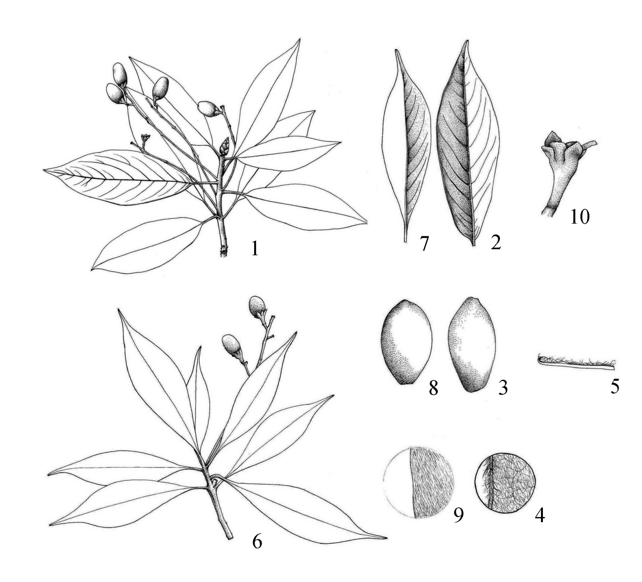


图 4 楠木与细叶楠的形态（标本）

楠木 1~5：1. 果枝；2. 叶；3. 果实；4. 叶背柔毛；5. 叶缘毛；细叶楠 6~10：6. 果枝；7. 叶；8. 果实；9. 叶背贴伏小柔毛；10. 果托

Fig. 4 Morphology of *P. zhennan* and *P. hui* (specimens)

P. zhennan 1−5：1. fruit spur；2. leaf；3. fruit；4. pubescence on back of blade；5. tricholoma；*P. hui* 6−10：6. fruit spur；7. leaf；8. fruit；9. appressed pubescence on back of blade；10. fruit pedicel

表 2 楠木与细叶楠的 *trn*H-*psb*A、ITS 核苷酸位点变异

Table 2 Variable nucleotide sites of the two DNA barcodes (*trn*H-*psb*A, ITS) in the examined samples from *P. zhennan* and *P. hui*

样品 Samples	位点 Loci *trn*H-*psb*A												ITS											
	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2					1	1	4	5	5	5	5	5
	2	2	3	3	3	3	8	9	9	9	9	9	2	4	5	8	8	8	3	4	4	4	6	6
	8	9	0	1	2	3	9	0	1	2	3	4	1	7	9	6	1	2	8	0	7	8	7	8
P. zhennan QC23	A	A	A	A	T	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	−	−	−	A	A	T	G	G	C
P. zhennan QC34	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·	A	·	·	−	−	−	·	·	·	·	·	·
P. zhennan CD22	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·	A	·	·	−	−	−	·	·	·	·	·	·
P. hui CZ01	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	G	G	A	C	A	G	G	−	−	T	G
P. hui CZ10	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	G	R	A	C	A	G	G	−	−	T	G
P. hui QC01	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	G	G	A	C	A	G	G	−	−	T	G

“·”代表与第一个出现的碱基相同，“−”表示比对产生的 gap

A dot “·” indicates the same character state as the first sequence, “−” indicates an alignment gap

天全县也有分布，但为栽培小树，数量极少）；垂直分布最低为四川长宁县古河镇飞泉寺 276 m，最高为四川峨眉山，可以分布到 1 120 m。调查所得的分布范围基本与《中国植物志》记载相同，只有湖北西部在本次调查中没有发现，历史上有标本采集记录的四川攀枝花市、西昌市及陕西平利县等地区，我们的调查均未发现楠木。同时我们的野外调查发现了一些之前没有记载的地区，楠木在贵州的分布范围可以扩展到东北部区域的务川县、凤冈县、思南县、江口县等地，在云南的四川盆地边缘的水富县、盐津县等地也有分布，《云南植物志》（中国科学院昆明植物研究所，1983）没有楠木分布的记载，可以补充纪录。在模式标本采集地四川峨眉山，楠木集中分布于报国寺、伏虎寺，在纯阳殿、万年寺、中峰寺、洪椿坪等地，数量极少，多为混淆种细叶楠。在调查的 26 个楠木居群中，个体数量小于 100 株的有 19 个居群，其中有 14 个居群其个数量小于 50 株，个体数量大于 100 株的居群有 7 个；数量最小的居群为安县飞鸣禅院，仅有 4 株，最大的居群为永川区张家湾林场，超过 1 000 株；胸径最大的楠木发现于贵州思南县青杠坡镇楠木王村，胸径达 278 cm（表 3、图 5）。

在 26 个楠木居群中，有 18 个居群生长在风水林中，5 个生长在自然林中，有 3 个居群散布于竹林中（表 3）。生长在寺庙与景区风水林中的楠木由于地面常铺有地砖或遭到大量游客的踩踏致使地面板结，种子无法萌发，多无更新，如成都市杜甫草堂、邛崃市火井镇兴福寺、绵竹市三溪寺等，但在一些大的景区里，人迹罕至的角落里存在着幼树的更新，但生长较差，如青城山风景区、峨眉山风景区等。村边风水林中，由于村民放养牲畜，割草砍柴，萌生的幼苗被破坏，更新差。自然林中的楠木多为在原有的楠木野生居群上干扰恢复的次生居群，如雅安市名山区中峰乡河口村与贵州遵义市凤冈县峰岩镇朱场村的居群，由于当地林业部门的大力宣传和管理，人们对楠木的保护极为重视，从而使楠木居群不断恢复壮大；在国有林场中的楠木居群更是得到了很好的保护与恢复，如重庆市铜梁县双碾林场与永川区张家湾林场楠木居群，自然更新良好，尤其是后者，现有楠木居群约 60 公顷以上，胸径 40 cm 以上的楠木超过 1 000 棵；贵州赤水市葫市镇金沙沟的楠木居群位于贵州赤水桫椤国家级保护区中，是本次调查中发现的唯一能确定为天然更新的居群，散生在金沙沟的悬崖边，由于当地气候温暖湿润，土壤肥沃，居群更新良好。散布在竹林中的楠木居群，为野生居群被破坏后的残留，由于竹农的不断干扰，更新差，另外由于楠木树冠远高于竹林林冠，一些楠木遭到雷击衰败或死亡，如四川泸州市合江县凤鸣之字滩、宜宾市长宁县蜀南竹海与云南省昭通市盐津县兴隆大田村等居群。

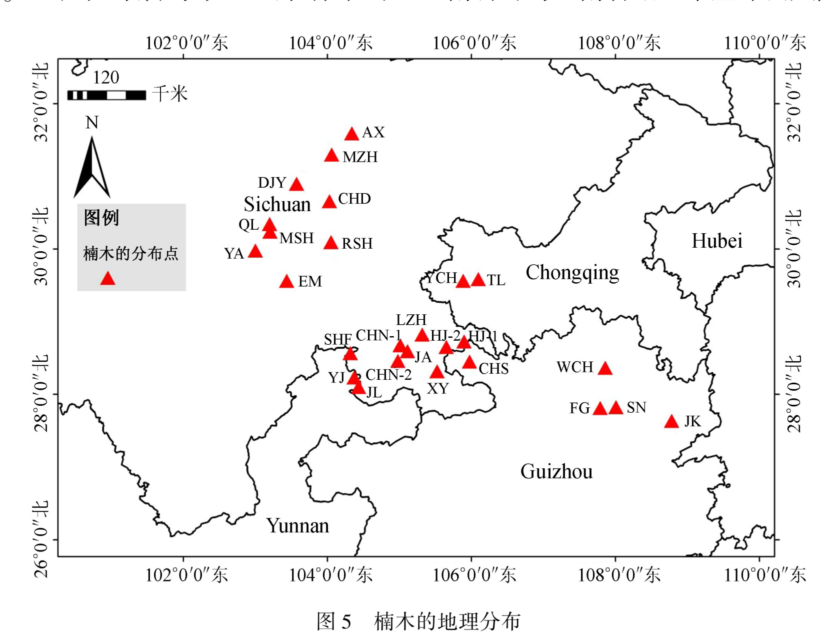


图 5 楠木的地理分布

Fig. 5 Geographic distribution of *P. zhennan*

表3 楠木的地理分布及居群状况

Table 3 Geographical distribution and population characteristics of *P. zhennan*

地区 District	地点 Locality	代码 Code	纬度 Latitude	经度 Longitude	海拔 Altitude/m	生境 Habitat	居群量 Size	最大胸径 Max DBH/cm	更新状况 Regeneration
	都江堰市青城山风景区	DJY	30°53′57.66″	103°34′17.11″	745	风水林中	53	147	更新差
	成都市青羊区杜甫草堂	CHD	30°39′36.13″	104°1′41.48″	523	风水林中	34	75	无更新
	邛崃市火井镇兴福寺	QL	30°20′46.43″	103°11′56.24″	744	风水林中	62	90	无更新
	绵竹市三溪寺	MZH	31°18′11.77″	104°3′33.90″	644	风水林中	14	105	无更新
	峨眉山市峨眉山风景区	EMS	29°33′50.42″	103°26′5.58″	535~1120	风水林中	65	125	更新差
	眉山市仁寿县黑龙滩	RS	30°5′47.99″	104°3′0.70″	463	风水林中	10	62	无更新
	绵阳市安县飞鸣禅院	AX	31°35′34.02″	104°20′23.09″	722	风水林中	4	115	无更新
	雅安市名山区中峰河口村	MS	30°14′19.11″	103°12′13.74″	592	自然林中	≈800	150	更新良好
四川省	雅安市烈士陵园	YA	29°58′48.37″	102°59′58.54″	515	风水林中	18	75	无更新
	泸州市合江县法王寺	HJ-1	28°39′13.54″	105°39′8.89″	701	风水林中	46	83	无更新
	泸州市合江县凤鸣之字滩	HJ-2	28°43′43.51″	105°53′58.94″	311	竹林中	60	48	更新差
	泸州市江阳区方山	LZH	28°49′31.26″	105°19′0.01″	469	风水林中	≈150	120	更新差
	泸州市叙永县水尾镇	XY	28°19′7.19″	105°31′24.46″	351	风水林中	25	40	更新差
	宜宾市江安县夕佳山	JA	28°35′47.41″	105°6′48.28″	408	风水林中	65	81	无更新
	宜宾市筠连县塘坝川丰村	JL	28°6′8.39″	104°26′2.89″	579	风水林中	33	60	更新差
	宜宾市长宁县古河飞泉寺	CHN-1	28°40′42.51″	105°0′42.27″	276	风水林中	47	55	无更新
	宜宾市长宁县蜀南竹海	CHN-2	28°27′46.13″	104°58′45.57″	509	竹林中	≈100	68	更新差
云南省	昭通市水富县楼坝格家坝	SHF	28°34′4.52″	104°19′9.94″	519	风水林中	53	74	更新差
	昭通市盐津县兴隆大田村	YJ	28°13′59.72″	104°22′20.85″	685	竹林中	68	143	更新差
重庆市	铜梁县双碾林场	TL	29°35′17.00″	106°5′48.29″	479	自然林中	≈300	69	更新良好
	永川区张家湾林场	YCH	29°33′47.98″	105°53′14.80″	427	自然林中	>1000	74	更新良好
	遵义市赤水市葫市金沙沟	CS	28°25′24.08″	106°0′49.13″	428	自然林中	≈100	75	更新良好
	遵义市凤冈县峰岩朱场村	FG	27°48′50.93″	107°47′25.29″	705	自然林中	≈150	135	更新良好
贵州省	遵义市务川县丰乐共青桥	WCH	28°22′1.19″	107°51′27.65″	763	风水林中	42	215	更新差
	铜仁市江口县双江黑岩坪	JK	27°38′13.62″	108°46′56.21″	543	风水林中	30	124	无更新
	铜仁市思南县青杠坡楠木王村	SN	27°49′33.52″	108°0′34.44″	731	风水林中	36	278	无更新

2.3 潜在分布区的估计

基于过去近 50 年的气候数据 worldclim_2-5 m（http://www.worldclim.org/），我们分别用 Bioclim 与 Domain 模型对楠木现在的潜在分布区进行了估测（图 6：A，B）。两个模型的预测结果大致相同，即楠木的潜在分布区为四川盆地及贵州北部地区，且大致分为四川盆地西北部、四川盆地南部及贵州北部 3 个区域，贵州北部的楠木潜在分布区较四川盆地的破碎化严重。

另外，基于未来近 100 年间 CO_2浓度倍增情况下的模拟气候数据 wc_ccm3_2-5 m，我们分别用 Bioclim 与 Domain 模拟气候变暖对楠木未来分布区的影响（图 6：C，D）。从图中可以看出气候变暖会促使楠木的最适分布区破碎化加剧、范围进一步缩小，与现在的潜在分布范围相比，可以看出气候变暖使楠木的最适分布区向北移动，尤其在 Bioclim 模拟结果中表现明显（图 6：A，C）。

3 讨论

3.1 楠木混淆种的形成原因及鉴别

“楠木”为古代“楠、樟、梓、椆”四大名木之首，历来被人们喜爱与推崇，许多楠木的同

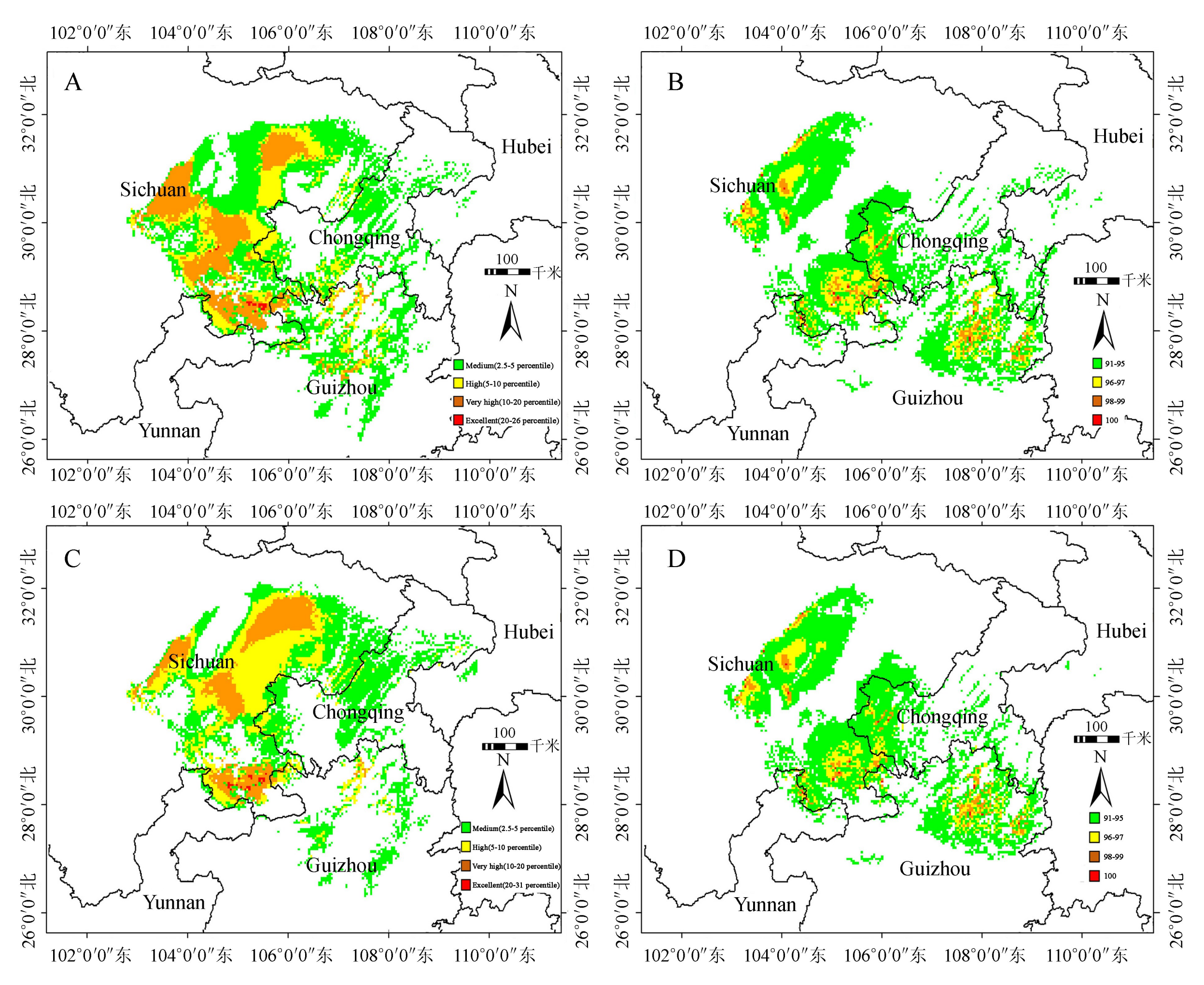


图 6 楠木的潜在分布区估计

A 与 B 是用近 1950-2000 年的气候数据分别用 Bioclim 与 Domain 对楠木的潜在分布区估测，C 与 D 是用 Bioclim 与 Domain 模拟的气候变暖对楠木分布区的影响，红、橙、黄、绿 4 种颜色依次表示分布可能性的由高到低

Fig. 6 Potential distribution estimation of *P. zhennan*

A and B, estimation of potential distribution of *P. zhennan* using Bioclim and Domain with the climate data from 1950 to 2000 respectively; C and D, estimation of potential distribution of *P. zhennan* using Bioclim and Domain after climate warming respectively. Color from red, orange, yellow to green indicates the decrease of potential distribution probability of *P. zhennan*

属种都被称作“楠木”，中国主要木材名称国家标准（GB/T16734-1997，成俊卿等，1997）记录了 8 个树种的木材为“楠木”，甚至润楠属与赛楠属的众多树种也被称作“楠木”（贾贤等，2014），因而名称上相同或相近容易导致混淆种的产生，如细叶楠又叫“小叶桢楠”，为楠木的同属近缘种，由于与楠木的传统中文名“桢楠”名称相近，而且二者生长型相同、多混生，用材也称“楠木”，材质与用途亦相同（四川植物志编纂委员会，1981），非常容易混淆。林鸿荣（1988）对楠木的历史分布状况研究表明，四川北部与湖北西北部在先秦时期有楠木的分布，由于近现代气候相对变冷，楠木从此区域向南退缩。因此现在该区域的人们因传统上对楠木的喜爱，而把该地区生长型与楠木相似的黑壳楠误认为楠木。本研究在比较形态特征的基础上结合 DNA 条形码技术，选用 *trn*H-*psb*A 与 ITS 序列对楠木及其混淆种细叶楠进行区分，*trn*H-*psb*A 在楠木和细叶楠的种间遗传距离虽然为 0，但是序列上有明显的插入/缺失，可作为鉴别两者的序列特征。ITS 片段的变异位点较多，计算得到种内遗传距离小于种间遗传距离，表明 ITS 片段能够区分楠木与细叶楠。因此补充条码 *trn*H-*psb*A 与 ITS，为“楠木”的鉴定工作提供了分子证据。

3.2 楠木的分布现状成因

目前，楠木仅零星的分布于四川盆地及毗邻的贵州北部地区，成林多为风水林，更新差，自然林很少，多数是人为干扰恢复的次生林，部分散布于竹林中，天然更新的野生居群极少（表 3、图 5）。然而楠木在先秦时期的分布范围要广泛许多，可分布到北纬 35°的青海、甘肃与陕西等省份的南部地区（林鸿荣，1988；蓝勇，1995）。而后由于气候渐趋转寒，常绿阔叶林的分布南移（竺可桢，1972），不得不使“楠木”的分布范围逐渐向南缩小，已退缩到秦岭—大巴山以南。《山海经》中有较多关于楠木林存在的事实记载，而现在楠木由成林分布转向零星分布，主要是因为其是古往今来备受人们青睐的树种，尤其是成为明清帝王必用的“皇木”，遭受的破坏比其他树种更严峻；加之近几年对楠木木材疯狂追逐，价格达到了几万元一立方米，各地的盗伐现象严重；人为活动如农耕活动、旅游开发等对楠木生境的破坏日趋加重，导致楠木更新困难。吴大荣和王伯荪（2001）研究了闽楠（*Phoebe bournei*（Hemsl.）Yang）的种子及幼苗生态学，认为闽楠果实大多数直接从母树掉落，只有少部分被鸟类传播，并且种子易霉烂等原因造成发芽率低。作为闽楠的近缘种，楠木具有近乎相同的生物学特性，这就限制了楠木扩散，造成其狭域分布，种子发芽率低，也不利于其居群数量增加。另外楠木生长缓慢，90 年的楠木胸径才达 43.10 cm（张炜等，2012），获得的经济利益低，人们不愿意种植，这也间接影响了楠木居群数量的增加。

3.3 楠木的潜在分布区估计的分析

通过对楠木现在潜在分布区的模拟显示，楠木主要连续地分布在四川盆地（图 6：A，B），该区域地势平坦、气候温暖湿润，非常适宜楠木的生长；而在贵州北部的楠木分布区破碎化明显，究其原因是由于该区域喀斯特山体林立，限制了楠木的扩散。另外从楠木现在潜在分布区的模拟图中不难发现，由于 Bioclim 与 Domain 模型估计的只是楠木的气候适生区，并没有考虑人类活动干扰，造成在四川盆地中北部，楠木的最适分布区为现在发达的大都市（如成都）所在地，这从一个侧面说明了人类活动占据了楠木的生存地，导致其资源数量不断减少。同时可以注意到两个模型的预测结果不是十分吻合，其原因是两个模型对气候因子要求的严格程度不同（Busby，1991；Saqib 等，2006）。但两个模型的预测结果均显示未来气候变暖将促使楠木的最适分布区明显向北移动，并加剧贵州北部分布区的破碎化，范围进一步缩小（图 6：C，D）。介于此，建议对四川盆地北部的潜在分布区生境加强保护，为楠木的未来向北扩展提供良好的生存条件。

4 保护对策与建议

根据本次的楠木资源调查结果，我们提出以下几方面的保护对策与建议：首先，林业部门核查当地分布的楠木居群，区分混淆种，以明确楠木现存居群数量；要规范楠木的交易市场，严厉打击各种非法交易与各种盗伐现象，加大对楠木保护的宣传力度，提高人们的生态保护意识。其次，针对更新差或无更新的居群规划建立保护小区；移除景区与寺庙楠木林下的地砖，控制旅客

数量；在村边的楠木风水林，禁止放养牲畜，减少农耕活动；疏伐竹林中楠木个体周围的竹子，给楠木小苗以成长空间，并安装避雷针；在一些个体数量较少的居群中可以栽培楠木幼苗以补充数量；在楠木居群更新良好的自然林中，适当疏伐郁闭度大的林分中的其他阔叶树种与灌木，以适应楠木幼苗随着树龄的增长增加对阳光的需求，促进楠木的天然更新。最后，在适宜楠木生长的区域或未来的潜在分布区中，推广和鼓励楠木的种植，林业部门可以采取送苗给林农，并给予适当财政补贴。

致谢 野外考察得到了川、渝、黔、滇、鄂林业厅及相关下属林业局，特别是老君山国家级自然保护区管理局、赤水桫椤国家级自然保护区管理局、习水国家级自然保护区管理局、宽阔水国家级自然保护区管理局、梵净山国家级自然保护区管理局、神农架国家级自然保护区管理局、青城山风景区管理局、峨眉山风景区管理局、成都杜甫草堂博物馆管理处等的大力支持；中国科学院昆明植物研究所李锡文研究员提供标本鉴定指导；植物系统发育与保护生物学实验室李朗博士的采样协助；四川省林业科学院张炜博士提供采样帮助；河南农业大学李家美老师帮助查询标本信息；甘肃农业大学生命科学学院刘源博士帮助绘制形态特征图，在此一并表示感谢。

〔参 考 文 献〕

成俊卿，李秾，姜笑梅等，1997. GB/T16734—1997，中国主要木材名称［S］. 北京：中国标准出版社，265

傅立国，金鉴明，1992. 中国植物红皮书——稀有濒危植物（第1册）［M］. 北京：科学出版社，364

蓝勇，1995. 历史时期中国楠木地理分布变迁研究［J］. 中国历史地理论丛，**4**：19—32

李广良，李建文，2010. 中国独有的珍稀树种——桢楠［J］. 紫禁城，**S1**：102—107

李锡文，白佩瑜，李树刚等，1982. 中国植物志（第31卷）［M］. 北京：科学出版社，113—116

林鸿荣，1988. 古代的楠木及其分布变迁［J］. 四川林业科技，**9**（4）：48—58

四川植物志编纂委员会，1981. 四川植物志（第1卷）［M］. 成都：四川人民出版社，27—28

谭鹏，李敏华，2011. 中国特有树种——桢楠［J］. 中国木材，**3**：16—17

汪松，解焱，1999. 中国物种红色名录（第1卷）［M］. 北京：高等教育出版社，334

郑万钧，1983. 中国树木志（第1卷）［M］. 北京：中国林业出版社，797

中国科学院昆明植物研究所，1983. 云南植物志（第3卷）［M］. 北京：科学出版社，135—154

中国科学院植物研究所，1972. 中国高等植物图鉴（第1卷）［M］. 北京：科学出版社，826

竺可桢，1973. 中国近五千年来气候变迁的初步研究［J］. 中国科学A辑，**2**：168—189

Attorre F，Francesconi F，Taleb N *et al.*，2007. Will dragonblood survive the next period of climate change? Current and future potential distribution of *Dracaena cinnabari*（Socotra，Yemen）［J］. *Biological Conservation*，**138**（3）：430—439

Bromberg C，Cash H，Curtis P *et al.*，1995. Sequencher. Gene Codes Corporation. Ann Arbor，Michigan

Busby JR，1991. Bioclim：a bioclimatic analysis and prediction system［A］// Margules CR，Austin MP eds.，*Nature Conservation：Cost Effective Biological Surveys and Data Analysis*［M］. Australia：Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation，64—68

CBOL Plant Wording Group，2009. A DNA barcode for land plants［J］. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*，**106**（31）：12794—12797

Chanderbali AS，van der Werff H，Renner SS，2001. Phylogeny and historical biogeography of Lauraceae：Evidence from the chloroplast and nuclear genomes［J］. *Annals of the Missouri Botanical Garden*，**88**（1）：104—134

Chen JQ（陈俊秋），Li L（李朗），Li J（李捷）*et al.*，2009. Bayesian inference of nrDNA ITS sequences from *Machilus*（Lauraceae）and its systematic significance［J］. *Acta Botanica Yunnanica*（云南植物研究），**31**（2）：117—126

Chen YX（陈云霞），Nan CH（南程慧），Xue XM（薛晓明），2014. Identification of chloroplast *mat*K sequence of *Phoebe* and Its related genera［J］. *Guizhou Agricultural Sciences*（贵州农业科学），**42**（2）：27—31

Claridge AW，2002. Use of bioclimatic analysis to direct survey effort for the long-footed potoroo（*Potorous longipes*），a rare forest-dwelling rat-kangaroo［J］. *Wildlife Research*，**29**（2）：193—202

Fazekas AJ，Steeves R，Newmaster SG，2010. Improving sequencing quality from PCR products containing long mononucleotide repeats［J］. *Biotechniques*，**48**（4）：277—285

Funk VA，Zermoglio MF，Nasir N，1999. Testing the use of specimen collection data and GIS in biodiversity exploration and conservation decision making in Guyana［J］. *Biodiversity and Conservation*，**8**（6）：727—751

Godown ME，Peterson AT，2000. Preliminary distributional analysis of US endangered bird species［J］. *Biodiversity and Conservation*，**9**（9）：1313—1322

Govindasamy B，Duffy PB，Coquard J，2003. High-resolution simulations of global climate，part 2：effects of increased greenhouse cases［J］. *Climate Dynamics*，**21**：391—404

Hall TA, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT [J]. *Nucleic Acids Symposium Series*, **41**: 95—98

Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, 2003. Biological identifications through DNA barcodes [J]. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, **270** (1512): 313—321

Hijmans RJ, Cameron SE, Parra JL *et al.*, 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas [J]. *International Journal of Climatology*, **25** (15): 1965—1978

Hijmans RJ, Spooner DM, 2001. Geographic distribution of wild potato species [J]. *American Journal of Botany*, **88** (11): 2101—2112

Hollingsworth PM, 2011. Refining the DNA barcode for land plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108** (49): 19451—19452

Jia X (贾贤), Huang QS (黄秋生), Liu GH (刘光华) *et al.*, 2014. The present status of *Phoebe zhennan* [J]. *Chinese Horticulture Abstract* (中国园艺文摘), **10**: 55—59

Lee SK (李树刚), Wei FN (韦发南), Wei YZ (韦裕宗) *et al.*, 1979. Materiae ad Floram Lauraceae Sinicarum (III) [J]. *Acta Phytotaxonomica Sinica* (植物分类学报), **17** (2): 45—84

Lee SK (李树刚), Wei FN (韦发南), 1988. A revision of the name of the valuable timber nanmu [J]. *Guihaia* (广西植物), **8** (4): 297—300

Li DZ, Gao LM, Li HT *et al.*, 2011a. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108** (49): 19641—19646

Li L, Li J, Rohwer JG *et al.*, 2011b. Molecular phylogenetic analysis of the *Persea* group (Lauraceae) and its biogeographic implications on the evolution of tropical and subtropical Amphi-Pacific disjunctions [J]. *American Journal of Botany*, **98** (9): 1520—1536

Li XQ (李晓清), Tang SQ (唐森强), Long SL (隆世良) *et al.*, 2013. Timber physical and mechanical properties of *Phoebe zhennan* [J]. *Journal of Sichuan Forestry Science and Technology* (四川林业科技), **41** (2): 77—79

Li HW, Li J, Huang PH *et al.*, 2008. *Flora of China*. Vol. 7. Lauraceae [M]. Beijing: Science Press; St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 189—224

Liu Z, Chen SL, Song JY *et al.*, 2012. Application of deoxyribonucleic acid barcoding in Lauraceae plants [J]. *Pharmacognosy Magazine*, **8** (29): 4—11

Lu MM (卢孟孟), Ci XQ (慈秀芹), Yang GP (杨国平) *et al.*, 2013. DNA barcoding of subtropical forest trees—a study from Ailao Mountains Nature Reserve, Yunnan, China [J]. *Plant Diversity and Resources* (植物分类与资源学报), **35** (6): 733—741

Pearson RG, Raxworthy CJ, Nakamura M *et al.*, 2007. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar [J]. *Journal of Biogeography*, **34** (1): 102—117

Sang T, Crawford D, Stuessy T, 1997. Chloroplast DNA phylogeny, reticulate evolution, and biogeography of *Paeonia* (Paeoniaceae) [J]. *American Journal of Botany*, **84** (8): 1120—1136

Saqib Z, Malik RN, Husain SZ, 2006. Modeling potential distribution of *Taxus wallichiana* in Palas Valley, Pakistan [J]. *Pakistan Journal of Botany*, **38** (3): 539—542

Tamura K, Stecher G, Peterson D *et al.*, 2013. MEGA6.0: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, **30** (12): 2725—2729

Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ, 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice [J]. *Nucleic Acids Research*, **22** (22): 4673—4680

Wang Q (王琦), Li YG (李因刚), Liu XH (柳新红) *et al.*, 2013. Community composition and structure of *Phoebe zhennan* forest in Enshi, Hubei Province [J]. *Forest Research* (林业研究), **26** (1): 21—28

White TJ, Bruns T, Lee S *et al.*, 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics [J]. *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, **18**: 315—322

Wu DR (吴大荣), Wang BX (王伯荪), 2001. Seed and seedling ecology of the endangered *Phoebe bournei* (Lauraceae) [J]. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), **21** (11): 1751—1760

Zhang W (张炜), He XB (何兴炳) *et al.*, 2012. Study on the growth characteristics and distribution of *Phoebe zhennan* in Sichuan [J]. *Journal of Sichuan Forestry Science and Technology* (四川林业科技), **26** (5): 38—41

Zhang W (张炜), Jiang B (江波), Jiang Y (蒋晔) *et al.*, 2009. A preliminary study of phenotypic diversity of seeds of *Phoebe zhennan* in Sichuan [J]. *Journal of Sichuan Forestry Science and Technology* (四川林业科技), **30** (6): 75—79